

УДК 573.2

КРАТКИЙ ОБЗОР ОНТОГЕНЕТИЧЕСКОЙ СИСТЕМАТИКИ С КРИТИЧЕСКИМ РАЗБОРОМ ВЕРСИИ А.В. МАРТЫНОВА

© 2013 г. И. Я. Павлинов

Зоологический музей МГУ
125009 Москва, ул. Б. Никитская, 6
e-mail: igor_pavlinov@zmmu.msu.ru

Поступила в редакцию 07.02.2012 г.

Кратко рассмотрена общая теория онтогенетической систематики. Её базовым принципом является обоснование таксономической системы ссылкой на онтогенетические паттерны организмов. В таком понимании сюда относится структурная кладистика Нельсона–Плэтника, версия рациональной систематики Хо, эклектичная версия Мартынова. Последняя рассмотрена подробнее: показано, что по ряду ключевых позиций она внутренне противоречива и несостоятельна, не может претендовать на роль развитой таксономической концепции.

Как давняя, так и новейшая история биологической систематики богата идеями, в той или иной форме воплощающими то, что принято называть “таксономической теорией”. На протяжении XX столетия в ней сформировалось не менее десятка школ, каждая со своим теоретическим обоснованием содержания и принципов таксономических исследований; начало XXI столетия продолжило эту динамику (Павлинов, Любарский, 2011). К числу таких школ относится популяционная (био)систематика, рациональная систематика, классификационная фенетика, кладистика, нумерическая таксономия, экоморфологический подход. Каждая из такого рода теорий существует в нескольких версиях, порой объединяемых только общим названием (например, эволюционная и структурная кладистика), что ещё более увеличивает разнообразие таксономических концепций.

Их вклад в общий “пул” теоретической систематики оценивается по-разному: в обзорах, ориентированных на “мейнстрим” таксономических исследований (т.е. на число публикаций в рамках той или иной концепции), одни считаются основными “таксономическими философиями”, другие отесняются на периферию таксономического знания (Hull, 1970; Майр, 1971; Sober, 2000; Ereshefsky, 2008). Такой способ оценки таксономических теорий, несомненно, обедняет общую картину и даёт искажённое представление о характере и направлениях развития теоретической систематики. Между тем внимательный анализ некоторых “периферийных” концепций – напри-

мер, экоморфологической, рациональной – позволяет открыть в них глубокое биологическое содержание, существенно по-иному представляя современное состояние биологической систематики в целом (Павлинов, 2010, 2011а; Павлинов, Любарский, 2011).

К числу “полузабытых” принадлежит теория *онтогенетической систематики* (далее для краткости *ОС*): это название отражает её ключевой принцип – классифицирование организмов на основании особенностей их онтогенезов. Соответственно этому классификации, разрабатываемые в рамках *ОС*, вполне могут быть названы *онтогенетическими* по аналогии филогенетическими, типологическими, фенетическими и т.п. Сюда относятся прежде всего разработки, исходно обозначенные именно таким образом, – “developmental systematics” (Orton, 1955; Babbitt, 2005), “ontogenetic systematics” = “онтогенетическая систематика” (Albert et al., 1998; Мартынов, 2009а,б, 2011; Martynov, 2011, 2012). Кроме того, по соответствию указанному принципу я включаю в *ОС* ряд концепций, разработанных в рамках других классификационных подходов, – рациональную систематику в версии Хо (Ho, 1990, 1992; Ho, Saunders, 1993) и структурную кладистику в версии Нельсона–Плэтника (Nelson, 1974, 1989; Platnick, 1982; Patterson, 1983). Они апеллируют к онтогенезу как к основанию для разработки классификаций и в этом смысле являются несомненно “онтогенетическими”.

В настоящей статье представлен краткий обзор теоретического содержания *ОС* в принятом здесь расширенном понимании. Из только что упомянутых основных версий особое внимание уделено таковой А.В. Мартынова (2009а,б, 2011; Martynov, 2011, 2012). Причина в том, что эта версия, громко декларируемая её автором как наиболее перспективное направление в биологической систематике, как мне представляется, внутренне противоречива, теоретически несостоятельна и даёт искажённое представление о том, каким образом возможно выстраивать таксономическую теорию вообще и *ОС* в частности.

ОНТОГЕНЕТИЧЕСКАЯ СИСТЕМАТИКА: КРАТКАЯ ИСТОРИЯ И СОВРЕМЕННЫЕ ВЕРСИИ

С точки зрения структуры общей таксономической теории (Павлинов, 2011б) *ОС*, как совокупность неких специфических принципов разработки классификаций, представляет собой одну из частных “признаковых” теорий – таких, в которых способы выделения таксонов обосновываются главным образом указанием тех или иных свойств (признаков) организмов. Так, в типологии в таком ключе рассматриваются признаки плана строения (архетипа), в биоморфике – эколого-физиологические характеристики, в цитосистематике или генофилетике – внутриклеточные структуры (хромосомы, информационные макромолекулы), в *ОС* – характеристики онтогенеза.

Общая идея о том, что естественные группы организмов как подразделения Естественной системы наиболее надёжно распознаются по особенностям индивидуального развития (онтогенеза) относящихся к ним организмов, восходит к середине XIX века. Впервые, по-видимому, её явным образом высказали Карл фон Бэр в зоологии и Фридрих Хофмайстер в ботанике (Павлинов, Любарский, 2011). В частности, Бэр характеризовал типы (*enbranchements*) Естественной системы Кювье как проявления базовых онтогенетических паттернов (Gould, 1977). В самом общем виде эту идею фиксирует принцип “тройного параллелизма”, утверждающий взаимоподобие между последовательностями а) размещения в Естественной системе основных планов строения организмов, б) их появления в палеонтологической летописи и в) стадий онтогенеза в их индивидуальном развитии. Получив благодаря Э. Геккелю эволюционную интерпретацию, в которой филогенез как развитие “генеалогического индивида” был уподоблен онтогенезу, а палеонтологическая летопись была дополнена филогенетическими ряда-

ми (Геккель, 1908), эта общая идея заняла одну из лидирующих позиций в систематике конца XIX – начала XX вв. Включение онтогенетического критерия в теоретическое определение гомологии и в эмпирическое распознавание гомологичных структур (Гиляров, 1964; Goodwin, 1994; Panchen, 1999; Павлинов, 2011в) сделало практически всю классическую “морфологическую” систематику основанной на онтогенетических принципах (Kluge, Srauss, 1985) – т.е. “онтогенетической” в самом широком смысле. Данное обстоятельство подчёркивается тем, что многие типы многоклеточных животных были выделены на основе анализа ранних этапов индивидуального развития организмов (Догель, 1981).

На протяжении XX в. биологическая систематика развивалась под возрастающим влиянием новых подходов, основанных на ином, нежели в “классике”, понимании предмета и задач систематики и соответственно критериев отбора признаков для построения классификаций. Вообще говоря, в такой смене доминирующих концепций нет ничего необычного и “протоестественного”: вся история систематики состояла именно в этом (Павлинов, Любарский, 2011). Но с точки зрения *ОС* этот тренд привёл к очевидным утратам, поскольку почти все новые таксономические теории в своей основе были редуцированными. Популяционная (био)систематика и классификационная фенетика сфокусировались на низших уровнях таксономической иерархии, где онтогенетические различия обычно имеют минимальный таксономический “вес” (Тахтаджян, 1970; Майр, 1971; Sneath, Sokal, 1973). В кладистической версии филогенетики концепция семафоронта как “одномоментного среза” некоторого этапа индивидуального развития (Hennig, 1950, 1966; Михайлов, 1997; Павлинов, 2005) наложила очевидное ограничение на анализ целостных онтогенезов и сделала доминирующей ныне кладистику в определённом смысле “анти-онтогенетической” (Мартынов, 2011). Наконец, новейшая молекулярная филогенетика (генофилетика), дополнившая кладистическую идею молекулярно-генетической фактологией (Павлинов, 2005), вообще не подразумевает возможность какого-либо анализа онтогенезов (Patterson, 1983). Всё это вместе взятое постепенно и неуклонно привело к падению интереса к *ОС* в каком бы то ни было её понимании.

Несмотря на этот общий редуциционный тренд, именно во второй половине XX века *ОС* начала оформляться как таксономическая теория в её достаточно конкретном и даже отчасти опера-

циональном толковании. Впервые её обозначила Ортон как “developmental systematics” (Orton, 1955): критикуя вышеупомянутую кладистическую концепцию семафоронта, она подчёркивала, что “в систематике и эволюции суждения должны основываться на обобщении данных по всему онтогенетическому паттерну, а не по какой-то отдельной стадии” (р. 76). В новейшей литературе предложенное Ортон обозначение иногда фигурирует в исследованиях, выполняемых в контексте концепции “Evo–Devo” (Babbitt, 2005). Позже был предложен сходный англоязычный термин (“ontogenetic systematics”), но с несколько иным смыслом (Albert et al., 1998): эти авторы таким образом обозначили анализ разнообразия морфогенетических механизмов формирования дефинитивных структур. Как видно, их подход также ориентирован на концепцию “Evo–Devo”, он упомянут в некоторых новейших таксономических сводках (Stuessy, 2008; De Craene, 2010).

Подобным же образом способ связывания принципов систематики и “онтогенетики” совсем недавно обозначил А.В. Мартынов (2009а,б, 2011; Martynov, 2011, 2012), причём, по всей очевидности, независимо от только что названных авторов (в его первых публикациях по данной теме ссылок на них нет). Его версия основана на неких специфических представлениях о соотношении между систематикой, филогенетикой и концепцией онтогенетических паттернов (циклов). В задачи данного автора входит не только разработка ОС как специфической таксономической теории и практики, но и привлечение внимания сообщества систематиков к ней как к биологически наиболее содержательной и наиболее перспективной. Поэтому по форме подачи публикации Мартынова очень яркие, со множеством афористически броских “лозунгов” (таксономическая иерархия есть основная теория систематики; таксон есть онтогенетический цикл; диагноз таксон есть гипотеза о его предковом цикле; “мышление циклами” должно заменить “мышление деревьями” и т.п., см. далее по тексту).

Кроме указанных “аутентичных” концепций ОС, в названиях которых есть прямая ссылка на онтогенез, я полагаю возможным отнести к этой таксономической теории в принятом здесь её общем толковании ещё несколько теоретических разработок второй половины XX в., ранее в таком ключе не рассматривавшихся.

В первую очередь имеется в виду структурная (или паттерн-) кладистика (Nelson, 1974, 1989; Platnick, 1982), которая в своё время была подвёргнута критике как некая “реинкарнация” клас-

сической натурфилософской “систематики естественного порядка” (Charig, 1982; Riedley, 1986; Scott-Ram, 1990). Я считаю её одной из версий ОС по той причине, что в её рамках кладистические классификации предложено основывать на анализе не филогенезов, как в исходной концепции Хеннига (Hennig, 1950, 1966), а онтогенезов. Эта позиция идеологами структурной кладистики аргументируется следующим образом. Признаётся, что “филогенез есть обобщённая трансформация, но мы не располагаем эмпирическими доказательствами филогенеза; единственные трансформации, доказываемые эмпирически, – таковые онтогенеза” (Patterson, 1983, р. 21). Соответственно “в рамках некоторой онтогенетической трансформации от признака, фиксируемого в качестве более общего, к признаку, фиксируемому в качестве менее общего, более общий признак – примитивный, менее общий – продвинутый” (Nelson, 1978, р. 327). Отсюда делается вывод, что “апоморфия и плезиоморфия... основаны на знании не филогенеза, а онтогенеза” (Patterson, 1988, р. 73).

Ещё одна концепция, апеллирующая к онтогенетическому обоснованию биологических классификаций, предложена в рамках рациональной систематики (Но, 1990, 1992, 1998; Но, Saunders, 1993). В данном случае речь идёт об упорядоченности процессов онтогенетических трансформаций, из которой выводятся суждения о структуре таксономической системы. Названная упорядоченность даёт “рациональную таксономию биологических форм и естественную систему классификации, основанную на динамике процессов порождения этих форм” (Но, 1998, р. 112). Ключевая идея состоит в том, что “индивидуальное развитие есть по преимуществу упорядоченный иерархический процесс, который порождает иерархическую структуру <разнообразия> дефинитивной организации живых существ” (Но, Saunders, 1993, р. 291). На этом основании таксон эксплицитно определяется как “класс индивидуальных, объединённых общностью процесса развития” (Но, 1992, р. 199; курс. ориг.). Вдобавок утверждается, что механизмы, ответственные за развитие биологических форм, универсальны: это позволяет рассчитывать на разработку некой “универсальной таксономии”.

Как видно из представленного краткого обзора, современная ОС в принятом здесь общем понимании весьма разнородна по своему составу и “корням”. Включённые сюда концепции объединяет одна фундаментальная идея, заслуживающая повторения: *все суждения о таксонах – об их составе, положении в системе, признаках –*

в рамках ОС должны основываться на данных по онтогенезу относящихся к ним организмов. Варианты реализации этой общей идеи рассмотрены в следующих разделах статьи, при этом основное внимание уделено версии А.В. Мартынова как последней во временном ряду предложенных концепций и наиболее декларативной: это обязывает подробнее изложить её основные принципы.

ОСНОВНЫЕ ПРИНЦИПЫ ОНТОГЕНЕТИЧЕСКОЙ СИСТЕМАТИКИ ПО А.В. МАРТЫНОВУ

Свою таксономическую концепцию А.В. Мартынов обозначает как теорию эволюционного “становления и распада онтогенетических циклов” (Мартынов, 2011, с. 135). Из этого видно, что основным предметом рассматриваемой версии ОС является эволюция онтогенезов, а не собственно таксономическая проблематика. Таким образом, Мартынов по-своему возвращается к тому этапу развития систематики первой половины XX в., когда она была объявлена наукой прежде всего об эволюции и лишь во вторую очередь – о классификациях (Де Фриз, 1904; Clements, Hall, 1919; Hall, Clements, 1923; Huxley, 1940). Эта исходная установка во многом определяет содержание рассматриваемой версии ОС.

“Общие принципы онтогенетической систематики” (таково название одного из разделов книги: Мартынов, 2011, с. 136–138; также Martynov, 2011, р. 203–206) в данной версии сведены в 12 пунктов. Большинство из них имеет отношение к эволюции онтогенетических циклов и здесь не рассматривается как выходящее за рамки собственно таксономии. Те принципы, которые по своей сути являются таксономическими, вкратце можно представить следующим образом: единицей ОС является онтогенетический цикл; каждый таксон представим как такой цикл; вся таксономическая иерархия представима как древовидная схема преобразований этих циклов; диагноз таксона есть “модель” предкового онтогенетического цикла. Далее в статье эти принципы будут проанализированы более основательно, в том числе в сравнении с другими версиями ОС.

Характеризуя свою концепцию, Мартынов утверждает, что её “состав... определяется не идеологической наполненностью тех или иных её компонентов, а практичностью” (Мартынов, 2011, с. 75). Таким образом, в своей концепции ОС Мартынов главным видит не “теорию”, а “практику”: последнее во многом объясняет тот факт, что в его публикациях оставлены без внимания

современные исследования, посвящённые ключевым аспектам таксономической теории. В этом не было бы большой беды, если бы названный автор, объявляя свою концепцию “теорией эволюции онтогенетических циклов”, теоретическую систематику оставил бы в покое, а практическую рассматривал бы лишь как инструмент описания разнообразия этих циклов. Но, вопреки исходной “практической” установке, Мартынов не только не обходит стороной таксономические вопросы общего порядка, но, напротив, предлагает в декларативной форме ряд принципов в качестве костяка некой “основной теории систематики”.

Выстраивание базиса своей концепции Мартынов начинает с предложения “обозначить как основную теорию систематики” иерархическую организацию биологических классификаций (Мартынов, 2011, с. 35; здесь и далее курсив ориг.). Как полагает названный автор, “основа систематики – ... <это> иерархический принцип, в наиболее завершённом виде применённый в систематике Линнеем в форме метода бинарной номенклатуры” (Мартынов, 2011, с. 17); в другом месте Мартынов называет его “основным иерархическим принципом систематики” (Мартынов, 2011, с. 35). Поскольку этот принцип “в завершённом виде” уже применён Линнеем, декларируется, что общие “основы теории систематики уже построены” и что она лишь требует доработки “для каждой конкретной группы” (Мартынов, 2011, с. 38).

Важно подчеркнуть: теоретической “основой систематики” объявляется именно иерархия как таковая, а не её обоснование, хоть как-то опирающееся на современные представления о принципах формирования многообразных иерархий природных систем и о способах их выявления и описания (Allen, Starr, 1982; Баранцев, 2003). Поэтому проблемы причин иерархической организации таксономических систем – одной из фундаментальных и далёких от решения в систематике (Любищев, 1982; Hawksworth, Bisby, 1988; Любарский, 1996; Павлинов, Любарский, 2011) – для Мартынова не существует. Для него есть одна несомненная иерархия – “линнеевская”, а названный принцип “дан систематике всей её историей” и какого-либо дополнительного обоснования, надо полагать, не требует.

Впрочем, упрёк в адрес Мартынова в нежелании рассматривать основания “иерархического принципа” не совсем верен: такое рассмотрение присутствует, но в весьма странных (для меня) формах. На уровне онтологии в качестве основы названного принципа предлагается некая

аксиома “всё живое из яйца” (Мартынов, 2011, с. 37). В данном пункте примечательно то, что в начальный период становления современной систематики эту “аксиому” наиболее активно разрабатывали “анти-линнеевцы” – приверженцы натурфилософской идеи “Лестницы природы”. В основе этой идеи (в её понимании, скажем, Ш. Боннэ) лежит представление о “прототипе” – о том самом “яйце”, из которого путём последовательной “эволюции” (так у Боннэ) возникло всё многообразие сущего, линейно упорядоченное в форме только что названной “Лестницы” и потому никоим образом не представимое в форме иерархической классификации (Лавджой, 2001). Так что в исходной версии названная “аксиома” и идея иерархической организации Системы природы, связываемые Мартыновым воедино в его концепции, – вообще говоря, две вещи вроде бы несовместные. Поскольку Мартынов ни в теорию, ни в историю систематики не вникает, вопрос о том, каким образом эти два существенно разных теоретических конструкта могут быть непротиворечиво совмещены, он не рассматривает.

Другим основанием “иерархического принципа” Мартынов считает “метод бинарной номенклатуры”. Как известно, в современной систематике номенклатура регламентирует не принципы классифицирования, а правила образования названий для таксонов некоторых номенклатурных ранговых групп (Международный кодекс... 2004, 2009). В этой апелляции, по всей очевидности, проявляется характерный “практический” уклон *ОС* в версии Мартынова, не желающего всерьёз обсуждать её “идеологическое ядро” (см. выше). Однако при рассмотрении “основ теории систематики” апелляция к Кодексу номенклатуры как к “единственному официальному регулятору действия таксономистов” (Мартынов, 2011, с. 34) представляется более чем неуместной.

Вероятно, желая подчеркнуть некую особость своей концепции, Мартынов объявляет “иерархическое обобщение... важнейшим и до сих пор недостаточно оценённым (или основательно забытым) современной филогенетикой теоретическим достижением классической систематики” (Мартынов, 2011, с. 18). В частности, он обвиняет кладистику в том, что та якобы никогда всерьёз и не осознавала “иерархический принцип”. Однако последнее совершенно неверно: одну из ключевых идей кладистики составляет принцип сестринских групп, обобщающий всю иерархию филогенетического древа (кладограммы) однозначно переводить в энкаптическую (“матрёшечную”) таксономическую иерархию голофилети-

ческих групп (Hennig, 1950, 1966; Wiley, 1981; Шаталкин, 1988; Павлинов, 1990, 2005; Wägele, 2005). При этом, вопреки несомненно ошибочному мнению Мартынова, предложенный кладистикой отказ от выделения парафилетических групп означает вовсе не “оспаривание”, а, напротив, ужесточение иерархического принципа. Непонимание Мартыновым этого краеугольного камня кладистической теории заставляет усомниться в том, что он действительно осознаёт смысл таксономической иерархии, способы её обоснования и конструирования; поэтому содержание его “основного иерархического принципа” остаётся несколько туманным.

Из трактуемой по-своему “основной теории” систематики названный автор выводит примечательное следствие, кажущееся ему немаловажным в теоретическом и практическом отношениях. Оно формулируется как “невозможность существования сходной сложной организации... за пределами традиционной и хорошо обоснованной группы организмов... <поэтому> не существует видов моллюсков за пределами типа Mollusca, видов млекопитающих за пределами класса Mammalia” (Мартынов, 2011, с. 35). Именно в форме этого следствия Мартынов формулирует то обобщение, которое предлагает считать “основным иерархическим принципом систематики”. Справедливо связывая указанное следствие с логическим принципом “тождества неразличимых”, автор почему-то не считает его тавтологичным вопреки лежащей за данным принципом логике (Френкель, Бар-Хиллел, 1966). По-видимому, в этом проявляется наивно-реалистическая позиция Мартынова, которого “больше интересует не логическая сторона этого принципа, а вполне реальные свойства таксонов” (Мартынов, 2011, с. 36). Разумеется, автор волен не интересоваться логикой определений; но хотелось бы знать, сможет ли он, например, отнести некое “зелёное тело” к иному классу объектов, нежели тот, который формально определён как “все зелёные тела”? А если не сможет, то почему он считает, что за отнесением организма, наделённого некими признаками, к таксону, в диагноз которого включены эти признаки, кроется нечто более глубокое, чем формальная силлогистика?

Исходя из своего “основного иерархического принципа” Мартынов наделяет свою версию *ОС* особой прогностической силой, якобы позволяющей вести систематику “от апостериорного описания бесчисленных частных случаев” (Мартынов, 2009а, с. 205). Это утверждение имеет отношение к неким фундаментальным принципам

организации таксономического знания и потому заслуживает отдельного комментария.

С точки зрения концепции естественного рода (Куайн, 1996) надёжные прогнозы возможны в рамках лишь конкретного таксона со специфическим для него “синдромом признаков” (Мейен, 1978; Любарский, 1996; Brigandt, 2009), будь то план строения или обобщённый онтогенетический паттерн. Такие прогнозы обоснованы и верны в той мере, в какой: а) актуален онтологический принцип общей причины, провозвестником которого в систематике можно считать кювьеров принцип корреляции частей (Sober, 2000; Павлинов, 2005), и б) диагноз таксона верно фиксирует признаки-индикаторы этого “синдрома”, выступая в качестве “определителя естественного рода” (LaPorte, 2004). Из этих пунктов следует несколько важных общих заключений. Во-первых, та или иная прогностичность присуща любой корректно выстроенной таксономической теории. Во-вторых, коль скоро разные таксономические теории – филогенетика, фенетика, типология, *ОС* и т.п. – по-разному определяют классифицирующие признаки и таксоны, их прогнозы для разных разбиений на таксоны одной и той же совокупности организмов будут разными. В-третьих, это значит, что все такие теории по-своему “хороши” (в смысле – корректны) как способы прогнозирования свойств организмов, но строго в рамках своей “компетенции”, заданных принципами конструирования таксонов и формирования соответствующих “синдромов признаков”. Соответственно, в-четвёртых, это значит, что выход таксономической теории за эти рамки в прогнозировании свойств организмов делает её прогнозы мало надёжными, а саму её – “плохой” (в только что указанном смысле). Наконец, в-пятых, степень совпадения прогнозов, выдаваемых разными таксономическими теориями, в силу упомянутого принципа общей причины будет тем выше, чем сильнее скоррелированы признаки, которые в этих теориях выбираются для разработки соответствующих классификаций.

Все эти тезисы, справедливые в общем случае, заставляют усомниться в состоятельности утверждения Мартынова о том, что *ОС* отличается, скажем, от молекулярно-филогенетической систематики какой-то особой прогностической силой. Рассматриваемая таксономическая теория, подобно всем прочим, надёжно прогнозирует (экстраполирует) суждения о свойствах организмов лишь в тех рамках, которые определены принятым ею способом определения таксонов, объединяющих эти организмы. Соответственно то,

что не относится к трансформациям онтогенетических паттернов, не входит в сферу компетенции *ОС*, поэтому надёжность её прогнозов за этими рамками, как можно полагать, минимальна в силу выше указанных ограничений. Но очевидно и то, что обвинение Мартыновым молекулярной филогенетики в её неспособности прогнозировать преобразования онтогенетических паттернов с этой точки зрения некорректно: названная таксономическая теория конструирует таксоны по существенно иным основаниям.

КЛАССИФИКАЦИЯ, ФИЛОГЕНЕЗ, ОНТОГЕНЕЗ

Для систематики одна из фундаментальных проблем, живо обсуждаемая на протяжении последних полутора столетий, – соотношение между эволюционными и таксономическими суждениями при разработке конкретных классификаций. Здесь достаточно чётко обозначены две противоположные концепции, каждая со своим эпистемологическим обоснованием. Согласно одной из них, разработанная на основе сходственных оценок классификация предшествует её филогенетической интерпретации: такова позиция типологии, фенетики, биосистематики, отчасти также классической (геккелевой) филогенетики; последнюю по этой причине иногда называют “скрытой типологией” или “псевдофилогенетикой” (Козо-Полянский, 1922; Remane, 1956; Levit, Meister, 2006). Этой схеме аргументации противостоит та, в которой классификация выводится из предшествующей ей филогенетической реконструкции: такова хеннигова кладистика (Hennig, 1950, 1966; Wiley, 1981; Павлинов, 1990, 2005), которая по этой причине иногда аттестуется как единственная “истинно эволюционная” школа систематики (Queiroz, 1988; Queiroz, Gauthier, 1992). В терминах эпистемологии, имея в виду соотношение между суждениями о филогенезе и классификации, эти схемы с некоторыми оговорками можно обозначить соответственно как “дедуктивную” (филогенез выводится из классификации) и “индуктивную” (классификация выводится из филогенеза) (Павлинов, 2011б).

ОС усложняет обрисованную познавательную ситуацию за счёт включения в неё суждений об онтогенезе. В результате получается некая трёхчленная конструкция, в которой только что рассмотренные соотношения между классификацией и филогенезом дополнены соотношениями между каждой из них и онтогенезом. Наполнение этой общей идеи конкретным содержанием даёт схемы аргументации, которые также могут быть обо-

значены как “дедуктивная” или “индуктивная”. В первом случае онтогенетические реконструкции выводятся *a posteriori* из ранее полученных классификационных и/или филогенетических схем; во втором случае эти реконструкции *a priori* предшествуют названным схемам.

Для того чтобы несколько формализовать очерченную трёхчленную познавательную ситуацию, в которой действует *ОС*, обозначим три базовые версии “дерева”, посредством которого в терминах соответствующего раздела теории графов (Оре, 1968) может быть представлена структура отношений между единицами исследуемого разнообразия организмов. “Классификационное дерево” (классический термин схоластов) отражает деление таксонов на подтаксоны в классификации. “Филогенетическое дерево” (классический термин Геккеля) отражает историю происхождения монофилетических групп. “Онтогенетическое дерево” (термин Хо, см. далее) отражает трансформации онтогенетических паттернов. В рамках предложенного тезауруса общая схема аргументации выглядит как та или иная последовательность взаимных преобразований этих “дереьев”, фиксирующая соотношения между их содержательными интерпретациями. С этой точки зрения общие алгоритмы разработки классификаций (основная цель систематики) в контексте суждений об онтогенетических и филогенетических трансформациях, предлагаемые разными версиями *ОС*, могут быть представлены следующим образом.

Подход Хо (Но, 1990, 1992) является “индуктивным” как в фило-, так и в онтогенетическом аспектах. Её схема аргументации подразумевает следующие шаги: а) анализ онтогенетических паттернов в некоторой группе организмов, б) представление разнообразия этих паттернов в форме ветвящегося “онтогенетического дерева”, в) последнее при некоторых допущениях о соотношении между онто- и филогенезом (выше упомянутый “тройной параллелизм”) преобразуется в “филогенетическое дерево”, которое, в свою очередь, г) преобразуется в классификацию. Как видно, в данной версии *ОС* классификация (= “классификационное дерево”) выводится *a posteriori* из филогенетически интерпретированного “онтогенетического дерева”. Следует отметить, что в рассматриваемой схеме филогенетическая интерпретация в некотором смысле избыточна: “онтогенетическое дерево” без существенной потери информации может быть преобразовано в “классификационное дерево” (в иерархическую классификацию) непосредственно, т.е. минуя ста-

дию его представления как “филогенетического дерева”.

В структурной кладистике, рассматриваемой в контексте *ОС*, схема аргументации является “индуктивной” в части соотношения между онтогенезом и классификацией и “дедуктивной” в части соотношения между филогенезом и классификацией. В данном случае: а) сначала выявляется разнообразие онтогенетических паттернов, б) на их основе выводится иерархия так называемых определяющих признаков, в) эта иерархия служит основанием для выстраивания соответствующей таксономической иерархии, г) представление последней в форме “классификационного дерева” при некоторых допущениях может рассматриваться как формальное представление филогенеза (Nelson, 1974, 1989; Platnick, 1982; Patterson, 1983). В данной схеме аргументации древовидное представление иерархии “определяющих признаков” может быть уподоблено “онтогенетическому дереву” в схеме Хо. Если это верно, получаем такую последовательность: “онтогенетическое дерево” → “классификационное дерево” → “филогенетическое дерево”.

Как видно, в обеих рассмотренных схемах анализ онтогенетических паттернов и построение “онтогенетических деревьев” предшествует разработке классификаций. Разница между ними сводится к тому, что в первой (Хо) разработке итоговой классификации предшествует обязательная филогенетическая интерпретация, во второй (Нельсон–Плэтник) эта интерпретация служит необязательной добавкой к самой классификации.

Чтобы понять схему аргументации Мартынова, необходимо принять во внимание следующее. Он уверяет, что “процедуры классической систематики (и вся уже открытая ранее иерархия) предшествуют выполнению “филогенетического” анализа, а не являются его *результатом*... вся иерархия таксонов и признаков скорее *открыта* всей предшествующей... систематикой” (Мартынов, 2011, с. 34). Примечательно, что в подтверждение правоты своего тезиса о первичности классификаций относительно филогенетического анализа Мартынов опирается на мнение таких признанных отечественных типологов, как С.В. Мейен и Г.Ю. Любарский. С другой стороны утверждается, что *ОС*, вооружённую “общим иерархическим принципом”, “можно рассматривать как стартовую точку для построения общей теории эволюции онтогенезов” (Мартынов, 2011, с. 73).

Как видно, здесь классификация очевидным образом предшествует реконструкции как фило-, так и онтогенетических преобразований. Таким образом, данная схема является “дедуктивной” в обоих указанных выше аспектах; более детально её можно представить следующим образом. За основу берётся некая классификация с “хорошо обоснованными морфологическими группами” (Мартынов, 2009а, с. 203), разработанная на основании комбинаторного анализа анатомических признаков или просто заимствованная из “предшествующей истории систематики” (см. выше); эксплицитные критерии “обоснованности” групп не указаны. Далее проводится реконструкция “онтогенетических циклов, исходных для той или иной группы того или иного таксономического объёма” (Мартынов, 2009а, с. 201); основания для обозначения реконструированных циклов как “исходных” (в другой редакции – “предковых”) не указываются. В результате получается некая “реконструированная система предковых онтогенетических циклов” (Мартынов, 2011, с. 139), отношения между которыми представляются в форме “древовидной схемы образования новых онтогенетических циклов” (Мартынов, 2011, с. 138). На завершающем этапе названная схема рассматривается как некая “итоговая модель исторических преобразований <которая> может включать в себя иерархически заданный порядок появления новых таксонов” (там же). Укладывая этот общий алгоритм в предложенный выше тезаурус, получаем следующую схему: “классификационное дерево” (система таксонов) является исходным, на его основе выстраивается “онтогенетическое дерево” (преобразования онтогенетических циклов), которое затем интерпретируется как “филогенетическое дерево” (порядок появления новых таксонов).

Важным элементом рассматриваемой схемы аргументации является предложенная Мартыновым “презумпция уже известного цикла”, согласно которой, “открывая неизвестный таксон, даже значительно отличающийся по морфологии от ближайших родственных форм, необходимо предполагать, что он является какой-то ранее неизвестной модификацией предкового онтогенетического цикла этих форм” (Мартынов, 2009а, с. 203). Как и выше отмеченные суждения об “обоснованности” групп и “исходном” характере установленных для них онтогенетических циклов, оценка “близости родства” сравниваемых форм остаётся без обоснования. Названная презумпция делает весь метод Мартынова весьма консервативным: итоговое “онтогенетическое дерево” и основанный на нём “эволюционный сценарий” в очень большой мере

определяются тем контекстом, который определён взятой за основу классификацией. А поскольку рассматриваемый автор не предлагает эксплицитных критериев отбора классификаций, исходных для его онтогенетических реконструкций (ссылка на “предшествующую историю систематики” едва ли может восприниматься всерьёз как теоретически состоятельная), вся его схема аргументации остаётся без надёжного фундамента.

Для оценки содержания рассматриваемой концепции следует принять во внимание, что её автор имеет в виду не реальные наблюдаемые онтогенезы, а обобщённые онтогенетические “модели” (= паттерны) – “предковые онтогенетические циклы”, реконструированные для соответствующих таксонов. Правда, Мартынов иногда предпочитает писать не об “умозрительном реконструировании” онтогенетических циклов (паттернов), а о некоем их “собрании” (Мартынов, 2011, с. 229), однако замена терминов не меняет смысла. Смысл же состоит в том, что охарактеризованный общий алгоритм вполне подпадает под ту схему типологических реконструкций “новой типологии”, согласно которой для каждого *a priori* заданного таксона *a posteriori* выводится обобщённый архетип (Беклемишев, 1994; Любарский, 1996; Мейен, 2007). Последнему в рассматриваемом случае, как можно полагать, соответствует “собранный” онтогенетический паттерн, что отражает вполне типологический характер концепции Мартынова. В этой связи особенно симптоматично противопоставление им онтогенетической и филогенетической теорий систематики, как то утверждает заголовок раздела одной из его статей (Мартынов, 2009а, с. 190).

И всё же вопреки тому, что Мартынов демонстративно отстраняется от филогенетики, его версия ОС несомненно тяготеет к ней, что видно из следующего. В разных местах он пишет о “родственных формах” (полагаю, здесь не имеется в виду “алхимическое сродство”) и подчёркивает, что каждый надвидовой таксон а) имеет в своём основании единственный предковый вид со специфическим онтогенетическим циклом и б) включает все подтаксоны, чьи онтогенетические паттерны (циклы) являются производными предкового. Как видно, эти утверждения Мартынова весьма сходны с некоторыми из тех, которые лежат в основании кладистики. Действительно, только что представленные пункты (а) и (б) в совокупности дают вполне кладистическое понимание голофилетической группы, которая характеризуется специфической “онтогенетической

синапоморфией” (последнее словосочетание – мой скромный вклад в теорию *ОС*).

Таким образом, концепция Мартынова, рассматриваемая в контексте соотношения между суждениями о классификации, филогенезе и онтогенезе, представляет собой причудливую комбинацию принципов, заимствованных (скорее всего, бессознательно, ибо прямых ссылок нет) из разных таксономических теорий. Обоснование классификации комбинаторикой признаков по сути является фенетическим, а ссылкой на “всю предшествующую историю” – скорее типологическим. Обобщённые онтогенетические паттерны (циклы), реконструированные *a posteriori* для таксонов исходной классификации, соответствуют их архетипам: это несомненный типологический аспект данной версии. Эти же паттерны, рассматриваемые в контексте итоговой филогенетической интерпретации, по сути являются “онтогенетическими синапоморфиями”, т.е. привнесённым элементом кладистики. Таким образом, рассматриваемая концепция в целом представляет собой нечто вроде “кладистически интерпретированной фенетической типологии”.

ТАКСОН И ОНТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЦИКЛ

Во всякой достаточно продвинутой таксономической теории (концепции) одним из ключевых является корректное определение единиц классификации – таксонов. Их частные интерпретации могут быть весьма разными в зависимости от содержания соответствующей теории (кладон, фенон, типологический континуум и т.п.). При этом наиболее общим и фундаментальным остаётся определение онтологии таксона, включая соотношение между ним самим и относящимися к нему организмами.

При рассмотрении последнего вопроса в первую очередь принимается во внимание иерархия уровней организации живой материи, которая подразумевает существование единиц разного ранга, наделённых эмерджентными свойствами и потому не сводимых друг к другу (Allen, Starr, 1982; Sober, 2000). В биологической систематике такими единицами являются, с одной стороны, таксоны как надорганизменные образования и, с другой стороны, собственно организмы, рассматриваемые как элементы или образцы (в зависимости от онтологической модели) таксонов. В *ОС* этот важный вопрос трактуется по-разному.

В версии Хо, которая исходно разрабатывалась в русле рациональной систематики, таксон трактуется как “естественный род” в смысле Куайна

(Webster, Goodwin, 1996; Павлинов, 2011в). Согласно этому организмы, относящиеся к таксонам, рассматриваются как образцы (tokens) соответствующих “естественных родов” (Brigandt, 2009). В частности, сама Хо полагает, что таксон “может быть определён как класс индивидов, объединённых общностью процесса развития” (Хо, 1992, р. 199).

В структурной кладистике данный вопрос специально не рассматривается, но вообще в кладистической систематике голофилетические таксоны (кладоны) уподобляются “квази-индивидам” (Wiley, 1981; Павлинов, 1990, 2005; Wägele, 2005). Соответственно этой онтологии считается допустимым трактовать организмы как “частицы” (particles) этих “квази-индивидов” (Hull, 1978; Ghiselin, 1997).

В концепции Мартынова основополагающим является отождествление таксона с онтогенетическим циклом, что предлагается считать “основным постулатом онтогенетической систематики: каждый таксон... <это> онтогенетический цикл” (Мартынов, 2009а, с. 202–203). Один из разделов его статьи прямо называется: “Вид как онтогенетический цикл” (Мартынов, 2009а, с. 178); в этом же ряду стоят утверждения типа “появление новых онтогенетических циклов, т.е. новых видов” и “переход от организма к эволюционному виду” (Мартынов, 2009а, с. 179). Эти высказывания обретают концентрированное выражение в общей формуле, согласно которой онтогенетический цикл является “единицей *ОС*” (заголовки соответствующих разделов в: Мартынов, 2011, с. 76; Martynov, 2011, р. 198). С другой стороны, Мартынов утверждает, что “онтогенетический цикл – это непрерывная последовательность стадий индивидуального развития... многоклеточного организма” и что “организм – это и есть онтогенез” (Мартынов, 2011, с. 70). Объединяя все эти утверждения, “основной постулат” Мартынова можно свести к следующей упрощённой форме: “таксон есть онтогенез”, из чего очевидно следует, что “таксон есть организм”.

К сожалению, А.В. Мартынов в данном пункте, как и в других теоретических разделах своей концепции, не утруждает себя обоснованием своей позиции, ограничиваясь броскими по форме, но не слишком содержательными дефинициями. Поэтому при анализе “основного постулата” *ОС* не остаётся ничего другого, как попытаться реконструировать рациональное содержание формулы “таксон = онтогенетический цикл” и прежде всего выяснить, следует ли её понимать буквально или метафорически.

При буквальном понимании данной формулы придется констатировать отождествление двух существенно разных уровней организации живого – организменного и надорганизменного (“таксонного”). На мой взгляд, определять таксон животных как “онтогенетический цикл = онтогенез = организм” так же неправомерно, как определять аналогичным образом, скажем, лесную экосистему. Если такая трактовка “основного постулата” верна, то по данному пункту версия *ОС* Мартынова представляется фундаментально противоречивой на уровне базовой онтологии и потому теоретически несостоятельной.

Что касается метафорической трактовки этого постулата, то в данном случае следует исходить из того, что метафоры в науке, вообще говоря, играют весьма заметную роль, компенсируя недостаточность языковых средств формального дискурса (Налимов, 1993). В частности, они позволяют представить сложные явления в несколько упрощенном виде, доступном для их “холистического” понимания (“схватывания”) на том образном уровне, на котором обыкновенно действует “обыденное” сознание. В биологии известно достаточное число такого рода метафор, имеющих более или менее тесное касательство к рассматриваемому предмету: например, “лестница существ”, “морфогенетическое поле”, “эпигенетический ландшафт”, “филогенетическое древо”, “онтогенетическое древо”, “эволюционный конус” и т.п. Понятно, что ничего подобного в живой природе реально не существует – всё это лишь суть образные формы репрезентации сложных биологических феноменов в некоторой познавательной ситуации. Возможно, к числу таких репрезентаций-метафор следует отнести и “основной постулат” *ОС* в версии Мартынова, особенно если принять во внимание, что сам он нередко пишет не об онтогенезе (онтогенетическом цикле) как таковом, а о некоей обобщённой “онтогенетической модели”.

При рассмотрении этого постулата в таком метафорическом ключе на ум сразу же приходит упоминавшаяся выше организмическая натурфилософская доктрина, согласно которой всякая сложная система любого уровня иерархии живой природы представима как “сверхорганизм”. Такова начальная идея натурфилософа Окена, владевшая многими умами естествоиспытателей XIX в., такая идея филогенетика Геккеля (см. выше о “геологическом индивиде”), таковы представления некоторых современных типологов (Беклемишев, 1994; Любарский, 1996). Поскольку каждый такой метафорический “сверхорганизм” так или

иначе развивается, ему столь же метафорически можно приписывать и некий “онтогенетический цикл”. Как мне представляется, при таком прочтении рассматриваемый “основной постулат” тесно перекликается с вышеупомянутой “квазииндивидуной” трактовкой таксона и тем привлекателен по крайней мере на уровне базовой натурфилософии.

Однако здесь нужно отметить следующее: сам Мартынов (2011) специально подчёркивает, что этот его постулат не подразумевает каких-либо “эволюционных циклов”, претерпеваемых таксонами в их классической филогенетической трактовке. Так что, вполне вероятно, высказанная мною догадка о метафорическом характере “основного постулата” Мартынова (таксон есть онтогенетический цикл) несостоятельна. Но тогда мне вообще непонятен его смысл – во всяком случае, непонятно, что нового, кроме самой “красивой формулы”, этот постулат даёт *ОС* (см. также следующий раздел).

“МЫШЛЕНИЕ ДЕРЕВЬЯМИ” *VS*. “МЫШЛЕНИЕ ЦИКЛАМИ”

Важной частью эпистемологии современной неклассической науки является признание неустранимого влияния стиля мышления (когнитивного стиля) исследователей на характер восприятия ими окружающего мира и тем самым опосредованно – на результаты их исследований (Ильин, 2003; Холодная, 2004). Биологическая систематика в этом отношении не составляет исключения: в её развитии смена стилей мышления играла весьма заметную роль (Павлинов, Любарский, 2011).

В натурфилософии XIX в. одним из базовых было “организменное мышление” и дополнительное ему представление о мире как о развивающемся целом (“developmental thinking”, Sandvik, 2008); из него выросла классическая филогенетика (см. выше) и дополнительная ей филогенетическая систематика. Для сравнительного анализа, лежащего в основе всей систематики, одним из фундаментальных считается “гомологическое мышление”, ограничивающее допустимые способы сопоставления каких-либо структур (Matthen, 2007). В биосистематике ключевое значение имеет “популяционное мышление”, противопоставляемое “типологическому” (Майр, 1971). В только что упомянутой филогенетической систематике актуально “мышление деревьями” (“tree thinking”), или “филогенетическое мышление”, в противовес характерному для типологии и фе-

нетики “мышлению группами” (“group thinking”) (O’Hara, 1997; Павлинов, 2007).

Это последнее противопоставление обозначилось в середине XIX столетия в связи с разграничением типологического и филогенетического способов обоснования Естественной системы. В несколько огрублённом виде различия между ними можно свести к следующему. Типологический (“групповой”) стиль мышления соответствует стационарной картине мира, классификация представима как иерархия последовательных разбиений таксонов на подтаксоны (классификационное “дерево Порфирия”). Филогенетический (“древесный”) стиль соответствует эволюционной картине мира, в котором одни группы происходят от других, классификация представима как филогенетическое древо (или “куст”, или “газон”).

Своего рода апофеозом теоретизирования Мартынова в этой области является призыв заменить “мышление деревьями” на “мышление циклами” (“cycle thinking”; имеются в виду онтогенетические циклы): таково почти дословное название одной из его статей (Martynov, 2011). Этим предложением рассматриваемая версия *ОС*, оперирующая онтогенетическими циклами, в очередной раз противопоставляется филогенетической систематике, оперирующей деревьями и кладами. Примечательно, что, разграничивая “tree thinking” и “cycle thinking”, Мартынов не затрагивает “group thinking”: это, по-видимому, не случайно, учитывая высказанные выше соображения о присутствии значительной доли типологии в его концепции.

Как представляется, предлагаемая Мартыновым замена корректна лишь в той мере, в какой объекты, на которые обращены указанные стили, а именно филогенез и онтогенез, можно соотносить друг с другом как явления одного порядка, полагая их элементами одной “системы объектов общего рода” (по Урманцеву, 1988). В контексте отождествления Мартыновым таксона и онтогенетического цикла такое соотнесение и на этой основе противопоставление, возможно, выглядит вполне органично. Но в контексте изложенной выше критики их прямое соотнесение, без которого не может быть противопоставления, едва ли правомочно.

Действительно, если полагать, что онтогенетический цикл (онтогенез) есть атрибут организменного уровня, а филогенетическое древо и клада как его часть – надорганизменные явления, то получается, что стили мышления “онтогенетическими циклами” и “деревьями” как эпистемологические конструкторы обращены на онтологические сущ-

ности разного порядка (уровня общности). Это значит, что они относятся к разным “системам объектов общего рода” и не могут быть напрямую соотнесены между собой, а вслед за этим и противопоставлены друг другу. Если рассматриваемое отождествление понимать метафорически и считать, что таксон действительно есть некий “обобщённый онтогенетический цикл”, ровно как для типологов школы В.Н. Беклемишева таксон есть сверхорганизм, наделённый “обобщённым архетипом”, то предлагаемое Мартыновым противопоставление вроде бы корректно. Однако, как отмечено в предыдущем разделе, такое понимание “основного постулата” Мартынова есть плод “досужих размышлений” автора этих строк, тогда как тексты самого Мартынова вовсе не позволяют заподозрить его в этаккой натурфилософии.

ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ ДИАГНОЗ И ОНТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЦИКЛ

Всякий таксон, выделяемый в классификации, в общем случае характеризуется двояко – экстенсionalmente и интенсionalmente (Мейен, Шрейдер, 1976; Павлинов, Любарский, 2011). К первой группе характеристик относятся прежде всего объём и состав таксона, ко второй – прежде всего его диагноз. От трактовки диагноза в большой мере зависит то, как будет задан интенсionalmente сам таксон со всеми относящимися к нему организмами. Из этого явствует, что корректное определение диагноза составляет важную часть всякой таксономической теории; очевидно, сказанное верно и в отношении *ОС*.

Автор последнего понятия Ортон пишет об “онтогенетическом определении вида” (Orton, 1955, p. 82), имея в виду теоретическое определение вида как таксона, а не определение таксономической принадлежности экземпляров. В *ОС* версии Хо этот вопрос не разбирается, поскольку Хо не является систематиком и этот раздел таксономической концепции ей, очевидно, не интересен. В структурной кладистике таксоны диагностируются синапоморфиями, специфичными для каждого из уровней генеральности в пределах установленной иерархии “определяющих признаков” (Platnick, 1982). Эти синапоморфии выявляются при анализе онтогенезов, но они не содержат прямой отсылки к ним, включаемой в соответствующие диагнозы. При этом подразумевается, что любой апоморфный признак, общий для некоторой группы организмов, может быть практически наблюден у них как эмпирическая данность.

В *ОС* в версии Мартынова предпринята важная попытка уточнения понимания таксономического диагноза на основании выше рассмотренного “основного постулата”, отождествляющего таксон с онтогенезом. Для этого предлагается следующая формула: “диагноз любого таксона выше вида... является гипотезой о... онтогенетическом цикле когда-то реально существовавшего единственного предкового вида” (Мартынов, 2009а, с. 190). Такое толкование диагноза вызывает серьёзные возражения по следующим пунктам.

Прежде всего, диагноз таксона вообще не может быть гипотезой как таковой. Диагноз включает указание конкретной характеристики (в данном случае онтогенетического цикла), которая позволяет отнести конкретный экземпляр к данному таксону: например, “род А характеризуется онтогенетическим циклом Б; всякий экземпляр, обладающий циклом Б, относится к роду А”. Если считать диагноз гипотезой в её общем понимании, то он должен формулироваться приблизительно так: “предположим, что род А характеризуется онтогенетическим циклом Б; если это верно, то всякий экземпляр, обладающий циклом Б, возможно относится к роду А”. Очевидно, что во втором случае это вообще не тот диагноз, который, по замыслу автора, должен обеспечить *ОС* “существенно *точным* знанием, позволяющим... с минимальными ошибками причислить любой неизвестный... ранее экземпляр к уже известным таксонам” (Мартынов, 2011, с. 39).

Далее, научная гипотеза подразумевает возможность тестирования путём проверки её предположительных утверждений конкретными данными – “первичными”, к числу которых относятся прямые наблюдения и эксперименты, и надёжно установленными “вторичными” (косвенными), так или иначе связанными с “первичными”. Очевидно, что “первичные” данные имеют значительно более высокую тестирующую ценность в сравнении с “вторичными”. При этом важно, чтобы данные, служащие для тестирования диагноза-гипотезы, не входили в начальные условия её выдвижения: в противном случае получается замкнутый круг аргументации. Мартынов не указывает ни начальных условий выдвижения, ни условий корректного тестирования (проверки) диагноза-гипотезы. Как можно предполагать, к числу первых относятся “первичные” или “вторичные” данные по онтогенезам известных организмов, к числу вторых – аналогичные данные по организмам, обнаруженным после выдвижения тестируемой гипотезы.

Здесь я вижу как минимум две серьёзные проблемы. С одной стороны, для того чтобы с помощью прямых наблюдений и экспериментов проверить гипотезу о предковом онтогенезе таксона, возникшего, скажем, в кембрии, необходимо, чтобы были доступны живые организмы, достоверно относящиеся к предковому виду этого таксона и позволяющие исследовать соответствующий онтогенетический цикл. Очевидно, что вероятность нахождения таких организмов теоретически равна нулю. С другой стороны, если судить о предковом онтогенезе только по косвенным данным, каковые по понятным причинам черпаются исходно из анализа ныне живущих форм, то возникает вышеупомянутый замкнутый круг аргументации, что видно из следующего. Сначала а) на основе анализа современных организмов, отнесённых к некоторому таксону, реконструируется некая “онтогенетическая модель”, объявляемая предковой для него (см. выше); затем б) для этой модели выводятся некие характерные для неё признаки-индикаторы, позволяющие косвенно судить о ней при отсутствии прямых свидетельств; в) эти признаки обнаруживаются у некоторой ископаемой формы; наконец, г) последняя назначается предположительно предковой для данного таксона на том основании, что она предположительно обладает соответствующей “онтогенетической моделью”, выведенной по результатам анализа ныне живущих организмов.

Наконец, отнесение организма к данному таксону корректно лишь при условии, что характеристики первого непосредственно сопоставляются с диагнозом второго. В этой связи возникает вопрос, отчасти связанный с предыдущим: для того чтобы отнести данный организм к таксону, диагностируемому онтогенетическим циклом, нужно ли исследовать полный онтогенез этого организма, или достаточно судить о его онтогенезе по только что упомянутым признакам-“индикаторам”? Очевидно, что в первом случае диагноз не будет “рабочим”, поскольку в подавляющем большинстве случаев в руки исследователей попадают мёртвые экземпляры или их остатки, а в случае поимки взрослого живого организма ранние стадии его онтогенеза не наблюдаемы. Во втором случае столь же очевидно, что речь идёт о включении в диагноз указания не самого онтогенетического цикла, а тех отдельных признаков, которые позволяют косвенно судить о нём.

Таким образом, предположительное суждение о предковом онтогенетическом цикле не может считаться корректно проверяемым ни прямыми, ни косвенными свидетельствами и поэтому не яв-

ляется научной гипотезой в строгом смысле. Более того, включение в диагноз онтогенетического цикла как такового, а не косвенных признаков-индикаторов, делает его нерабочим. На этом основании предложенный Мартыновым пересмотр содержания таксономического диагноза в *ОС* я считаю несостоятельным.

НЕСКОЛЬКО ДОПОЛНИТЕЛЬНЫХ КОММЕНТАРИЕВ

Согласно доминирующим (отчасти обывательским) представлениям о назначении науки, всякая теория хороша в той мере, в какой она реализуема на практике. С этой точки зрения мерилom состоятельности (теоретической обоснованности) и новизны таксономических концепций обычно считается состоятельность (теоретическая и эмпирическая обоснованность) и новизна практических разработок, предлагаемых на основании соответствующих теоретических построений. В систематике это относится главным образом к конкретным классификациям, а равно и к алгоритмам, связывающим классификации с базовыми теоретическими конструктами.

Хорошим примером успешного проекта здесь служит кладистика, которая теоретически обосновала некий набор принципов построения филогенетических классификаций и довела их до операционального состояния (Wiley, 1981; Шаталкин, 1988; Павлинов, 1990, 2005). Результатом оказались весьма радикальные перестройки в систематике многих групп растений и животных, признанные в подавляющем большинстве современных сводок. Понятно, что эти перестройки считаются обоснованными в той мере, в какой обоснованными считаются идеи кладистики и выведенные на их основе классификационные алгоритмы.

В задачи настоящей статьи, посвящённой анализу теоретических оснований *ОС*, не входит исследование конкретных онтогенетических классификаций на предмет их состоятельности и новизны. Для этого необходимо быть экспертом по соответствующим группам и хорошо ориентироваться в специальной текущей литературе. Я себя к таким экспертам не отношу и потому полагаю, что мои оценки вряд ли будут достаточно компетентными и интересными практикующим специалистам-систематикам. Вместо этого, оставаясь в рамках авторской теоретической позиции, я позволю себе высказать некоторые соображения по поводу того, какой смысл может иметь оценка

классификаций по двум указанным критериям – их состоятельности и новизны.

Всякий классификационный подход на операциональном уровне стартует с определения некоторого фиксированного аспекта структуры разнообразия организмов (филогенетического, типологического, биоморфологического и т.п.) и классифицирующих признаков, позволяющих его выявить; в предельном смысле лежащая в основе подхода теория служит просто средством обоснования этого выбора (Павлинов, 2011а). С этой точки зрения классификации, возникающие как “проекции” теоретических конструктов на эмпирическую данность, а) состоятельны в той мере, в какой состоятельно само это “проецирование” с помощью соответствующих классификационных алгоритмов, и б) новы в той мере, в какой информационно “новы” выбранные признаки и приложенные к ним алгоритмы. Имеется в виду, что способы отбора признаков и оценки сходства (и при необходимости родства) по ним соответствуют теоретически заданным принципам и что взятые за основу классифицирования признаки не скоррелированы с теми, которые использованы в других подходах, и тем самым выявляют ранее не исследованный мерономический аспект разнообразия организмов. Важно иметь в виду, что эти два критерия – состоятельности и новизны – между собой слабо связаны, поэтому а) состоятельность не гарантирует особой новизны и б) новизна сама по себе не свидетельствует о состоятельности.

Иллюстрацией этих соображений может служить новейшая генофилетика (филогеномика). Её конкретные разработки в области систематики состоятельны в той мере, в какой надёжно обосновано (биологически осмысленно) использование сходства по молекулярным структурам в качестве мерила генеалогической близости (кровного родства). Их новизна относительно прочих классификаций (от “традиционных” до кладистических) во многом обусловлена слабой скоррелированностью классифицирующих признаков на макроморфологическом и молекулярном уровнях. Понятно, что отношение к обоснованности и новизне молекулярно-генетических классификаций, как и в случае кладистики (см. выше), определяется отношением к степени обоснованности исходных допущений.

Прикладной аспект *ОС*, рассматриваемой в общем случае, несомненно заслуживает внимания, поскольку эта таксономическая теория обращена к весьма содержательному в биологическом отношении аспекту разнообразия организмов. Классические исследования в этой области, приведшие

к обоснованию доминировавшей до недавнего времени макросистемы Metazoa, достаточно хорошо известны специалистам и вряд ли требуют особых комментариев. Будущие разработки онтогенетических классификаций на современном уровне “идеологически” и фактологически будут, по всей очевидности, связаны с концепцией “Evo-Devo” (Hall, 1992; Minelli, 2009; Martynov, 2012). Понятно, что особо бурного развития здесь пока ожидать не приходится в силу ограничений, обусловленных большой затратностью фактологического обеспечения практических исследований в области ОС.

Что касается версии последней “по Мартынову”, которой в настоящей статье уделено больше всего внимания, то, с точки зрения изложенных в настоящем разделе соображений, она примечательна следующим. Названный автор аттестует свою концепцию как обращённую прежде всего к “практике”, а не к “теории”, – и тем не менее нагружает её довольно весомым теоретическим содержанием (“основной иерархический принцип”, “основной постулат” и т.п.). Неприятность здесь в том, что, прикрываясь ссылкой на “практический” уклон своего подхода, Мартынов освобождает себя от обязанности рационально обосновывать теоретические положения, отделяясь простыми (пусть и весьма броскими) декларациями. В результате получился странный конгломерат слабо аргументированных формулировок, полный внутренних противоречий и потому не воспринимаемый как некий “готовый продукт”. Последний тезис вполне убедительно иллюстрирует сам автор рассматриваемой концепции, завершая её изложение весьма пессимистическим утверждением: “самой теории онтогенетической систематики... у нас нет” (Мартынов, 2011, с. 135).

Вследствие декларативного стиля изложения рассматриваемой концепции и связанной с этим её теоретической недоработанности в ней фактически отсутствует удовлетворительная операциональная составляющая. Поэтому вряд ли стоит удивляться тому, что основные выдвигаемые Мартыновым оригинальные теоретические тезисы остаются без “практического” воплощения. Так, вопреки тому, что названный автор предлагает “мышление древесами” заменить на “мышление циклами”, в его публикациях весьма обычны стандартные древовидные представления филогенетических отношений как между таксонами, так и между характеризующими их онтогенетическими циклами (Мартынов, 2011; Martynov, 2011, 2012; Martynov, Schrödl, 2011). Из этого видно, что сам Мартынов не очень верит в

предложенную им альтернативу и не спешит ею воспользоваться. Сходной в его публикациях оказывается и судьба предложения определять таксономический диагноз как “гипотезу о предковом онтогенезе”, несостоятельность чего показана выше. Практические диагнозы, которыми Мартынов снабжает выделяемые им таксоны, включают традиционные списки морфологических признаков, а онтогенетические циклы упоминаются лишь наряду с некоторыми другими характеристиками (Мартынов, 2011; Martynov, 2011, 2012). Это означает, что в рамках ОС вполне достаточно просто дополнить традиционное понимание диагноза условием, что включаемые в него признаки должны быть неслучайным образом и достаточно тесно связаны с особенностями онтогенетического цикла организмов, отнесённых к соответствующему таксону.

Серьёзным недостатком данной концепции, рассматриваемой с точки зрения возможностей её “практической” реализации, является то, что из-за её избыточной декларативности в ней образуется весьма глубокий разрыв между исходными принципами и итоговыми классификациями. По этой причине сами онтогенетические классификации получаются “непрозрачными” в отношении условий их выдвижения как таксономических гипотез: в большинстве своём они не разрабатываются эксплицитными (доступными для анализа) методами, а “провозглашаются”. Так что общий вердикт по поводу конкретных классификаций, разрабатываемых в контексте концепции ОС “по Мартынову” в существующей её версии, может быть таким. Коль скоро А.В. Мартынов неизменно апеллирует к своей “теории онтогенетической систематики” как источнику его классификационных новаций, а эта “теория” в представленном виде по основным пунктам несостоятельна (сам автор “теории” утверждает, что её “у нас нет”, см. выше) и не дополнена внятыми алгоритмами, вряд ли можно ожидать, что на её основе могут быть разработаны классификации, кажущиеся (независимо от их новизны) состоятельными кому-либо, кроме автора данной концепции ОС.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

ОС, понимаемая в общем смысле, нацелена на распознавание таксонов и их упорядочение в классификации на основе анализа онтогенетических паттернов организмов. Таким образом, она представляет собой одну из частных “признаковых” теорий систематики – именно такую, в которой выделение таксонов обосновывается главным образом ссылкой на признаки онтогенеза.

В предложенной здесь расширенной трактовке *ОС* к ней отнесены все концепции систематики, которые соответствуют условию только что указанной её основной задачи. Одни из них исходно обозначены как “онтогенетические” (Ортон, Мартынов), другие предложены в рамках иных таксономических теорий – в структурной кладистике (Нельсон и Плэтник), в рациональной систематике (Хо).

Из представленного выше анализа содержания *ОС* видно, что она в целом представляет собой скорее набор “деклараций о намерениях”, нежели достаточно проработанную таксономическую теорию, корректно доведённую до операционального уровня. Такое её состояние объясняется двоякого рода причинами. Одни из них заключаются в том, что авторы частных концепций *ОС* чаще всего не утруждают себя серьёзной концептуальной проработкой и детализацией своих идей, ограничиваясь общими лозунгами. Другая категория причин обусловлена значительными техническими проблемами, связанными с изучением конкретных онтогенезов подавляющего большинства многоклеточных организмов.

В принятом здесь общем понимании современная *ОС* весьма разнородна в теоретическом плане. Она предполагает несколько базовых схем аргументации, по-разному связывающих между собой суждения о классификации, онтогенезе и филогенезе.

На основании того, включены или нет филогенетические реконструкции в соответствующие схемы, концепции *ОС* можно разделить на две категории – “онто-филогенетические” и “онтогенетические” в узком смысле. В первом случае таксоны распознаются на основании комбинации онто- и филогенетических принципов (концепции Ортон, Хо, Мартынова), во втором – на основании только онтогенетических принципов (концепция Нельсона–Плэтника).

По другому “основанию деления” эти концепции можно классифицировать как “онтогенетически обоснованные” (Нельсон–Плэтник, Ортон, Хо) и “онтогенетически интерпретированные” (Мартынов). В первом случае анализ разнообразия и трансформаций онтогенетических паттернов предшествует разработке классификаций: это можно обозначить как “эуонтогенетическую” версию *ОС*. Во втором случае суждения о разнообразии и трансформациях онтогенетических паттернов выводятся из классификаций, разработанных на основании иных критериев: эта версия *ОС* может быть обозначена как “псевдоонтоге-

нетическая” (по аналогии с выше упомянутой “псевдофилогенетикой”).

Новейшая концепция Мартынова, рассмотренная более подробно, представляет собой эклектическую комбинацию едва ли совместимых принципов, заимствованных из разных таксономических теорий. В ней таксоны, изначально выделенные по комбинациям признаков (т.е. фенетически или типологически), характеризуются *a posteriori* реконструированными обобщёнными онтогенетическими паттернами (= архетипами), при этом постулируется, что в основании каждого макротаксона лежит единственный вид с исходным для всех представителей этого таксона предковым паттерном (“онтогенетическая синапоморфия”). Соответственно этому данную концепцию можно суммарно обозначить как “кладистически интерпретированную фенетическую типологию”.

Из частных предложений А.В. Мартынова, входящих в ядро его концепции, особых критических комментариев заслуживают следующие: а) эмпирическая иерархическая структура классификаций не может рассматриваться как фундаментальное теоретическое основание биологической систематики; б) таксон как надорганизменная единица классификации не может быть отождествлён с онтогенетическим циклом как атрибутом организма, соответственно чему в) онтогенетический цикл не может считаться единицей классификации и г) “мышление циклами” не может замещать “мышление древесами”; д) таксономический диагноз не может отождествляться с гипотезой о предковом онтогенетическом паттерне.

Несмотря на существующие серьёзные трудности и ограничения, *ОС* имеет определённые перспективы как весьма содержательная таксономическая теория: на это позволяет рассчитывать активно развивающаяся эволюционная биология развития (“Evo–Devo”, “Phylo–Evo–Devo”). В контексте последней могут найти серьёзную аргументацию те базовые положения *ОС*, которые предусматривают обоснование ранга, состава и иные характеристики таксонов через особенности индивидуального развития относящихся к ним организмов. При этом, как представляется, *ОС* следует развивать в теоретическом плане как “индуктивную” эуонтогенетическую, а не “дедуктивную” псевдоонтогенетическую.

Я признателен А.В. Мартынову за разъяснение некоторых положений его концепции *ОС*; Д.Л. Иванову, А.В. Сысоеву и В.В. Алёшину за комментарии ранних версий настоящей статьи.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Баранцев Р.Г.*, 2003. Синергетика в современном естествознании. М.: УРСС. 144 с.
- Беклемишев В.Н.*, 1994. Методология систематики. М.: КМК Sci Press. 250 с.
- Геккель Э.*, 1908. Естественная история миротворения. Ч. 1. Общее учение о развитии. СПб.: Мысль. 274 с.
- Гиляров М.С.*, 1964. Современные представления о гомологии // Успехи соврем. биологии. Т. 57. № 2. С. 300–316.
- Де Фриз Г.*, 1904. Теория мутаций / Под ред. Фаусека В.А. Теория развития. СПб. С. 185–213.
- Догель В.А.*, 1981. Зоология беспозвоночных. Изд. 7. М.: Высш. шк. 606 с.
- Ильин В.В.*, 2003. Философия науки. М.: Изд-во МГУ. 360 с.
- Козо-Полянский Б.М.*, 1922. Введение в филогенетическую систематику высших растений. Воронеж: Природа и культура. 167 с.
- Куайн У.В.О.*, 1996. Онтологическая относительность // Современная философия науки. М.: Издат. корп. “Логос”. С. 40–61.
- Лавджой А.*, 2001. Великая цепь бытия. История идеи. М.: Дом интеллект. книги. 376 с.
- Любарский Г.Ю.*, 1996. Архетип, стиль и ранг в биологической систематике. М.: КМК Sci Press. 432 с.
- Любичев А.А.*, 1982. Проблемы формы, системы и эволюции организмов. М.: Наука. 277 с.
- Майр Э.*, 1971. Принципы зоологической систематики. М.: Мир. 454 с.
- Мартынов А.В.*, 2009а. От онтогенеза к эволюции: систематика в ожидании смены парадигм // Эволюция и систематика: Ламарк и Дарвин в современных исследованиях (Тр. Зоол. музея МГУ. Т. 50) / Под ред. Свиридова А.В., Шаталкина А.И. М.: Изд-во МГУ. С. 145–230.
- Мартынов А.В.*, 2009б. На пути к синтезу таксономии, онтогенеза и филогенетики: новая концепция онтогенетической систематики // Вестн. МГУ. Сер. 16, биол. № 4. С. 17–21.
- Мартынов А.В.*, 2011. Онтогенетическая систематика и новая модель эволюции Bilateria. М.: Т-во науч. изд. КМК. 286 с.
- Международный кодекс..., 2004. Международный кодекс зоологической номенклатуры. 4-е изд. Принят Международным союзом биологических наук. М.: Т-во науч. изд. КМК. 222 с.
- Международный кодекс..., 2009. Международный кодекс ботанической номенклатуры (Венский кодекс), принятый Семнадцатым международным ботаническим конгрессом... М.: Т-во науч. изд. КМК. 282 с.
- Мейен С.В.*, 1978. Основные аспекты типологии организмов // Журн. общ. биологии. Т. 39. № 4. С. 495–508.
- Мейен С.В.*, 2007. Морфология растений в номогенетическом аспекте // In Memoriam. С.В. Мейен: палеоботаник, эволюционист, мыслитель / Под ред. Игнатъева И.А. М.: ГЕОС. С. 162–222.
- Мейен С.В., Шрейдер Ю.А.*, 1976. Методологические вопросы теории классификации // Вопр. философии. № 12. С. 67–79.
- Михайлов К.Г.*, 1997. Классификация признаков или иерархия таксонов? // Журн. общ. биологии. Т. 58. № 3. С. 107–112.
- Налимов В.В.*, 1993. В поисках иных смыслов. М.: Издаю группа “Прогресс”. 280 с.
- Оре О.*, 1968. Теория графов. М.: Наука. 352 с.
- Павлинов И.Я.*, 1990. Кладистический анализ (методологические проблемы). М.: Изд-во МГУ. 160 с.
- Павлинов И.Я.*, 2005. Введение в современную филогенетику. М.: Т-во науч. изд. КМК. 391 с.
- Павлинов И.Я.*, 2007. Филогенетическое мышление в современной биологии // Журн. общ. биологии. Т. 68. № 1. С. 19–34.
- Павлинов И.Я.*, 2010. Замечания о биоморфике (экоморфологической систематике) // Журн. общ. биологии. Т. 71. № 2. С. 187–192.
- Павлинов И.Я.*, 2011а. Концепции рациональной систематики в биологии // Журн. общ. биологии. Т. 72. № 1. С. 3–26.
- Павлинов И.Я.*, 2011б. Как возможно выстраивать таксономическую теорию // Зоол. исслед. № 10. С. 45–100.
- Павлинов И.Я.*, 2011в. Современные представления о гомологии (теоретический обзор) // Журн. общ. биологии. Т. 72. № 4. С. 298–320.
- Павлинов И.Я., Любарский Г.Ю.*, 2011. Биологическая систематика: эволюция идей // Тр. Зоол. музея МГУ. Т. 51. М.: Т-во науч. изд. КМК. 676 с.
- Тахтаджян А.Л.*, 1970. Биосистематика: прошлое, настоящее и будущее // Ботан. журн. Т. 55. Вып. 3. С. 331–345.
- Урманцев Ю.А.*, 1988. Общая теория систем: состояние, приложение и перспективы развития // Система. Симметрия. Гармония. М.: Мысль. С. 38–124.
- Френкель А.А., Бар-Хиллел И.*, 1966. Основания теории множеств. М.: Мир. 555 с.
- Холодная М.А.*, 2004. Когнитивные стили. О природе индивидуального ума. 2-е изд. СПб.: Изд-во “Питер”. 384 с.
- Шаталкин А.И.*, 1988. Биологическая систематика. М.: Изд-во МГУ. 184 с.
- Albert V.A., Gustafsson M.H.G., Di Lorenzo L.*, 1998. Ontogenetic systematics, molecular developmental

- genetics, and the angiosperm petal // Molecular systematics of plants. II. DNA sequencing / Eds Soltis P., Soltis D., Doyle J. Boston: Kluwer Acad. Publ. P. 349–374.
- Allen T.F.H., Starr T.B., 1982. Hierarchy: Perspectives for ecological complexity. Chicago: Univ. Chicago Press. 310 p.
- Babbitt C.C., 2005. Developmental systematics: Synthesizing ontogeny and phylogeny in the Malacostraca (Crustacea). PhD. Dissert. Ann Arbor: Univ. Chicago. URL elibrary.ru/item.asp?id=9066324.
- Brigandt I., 2009. Natural kinds in evolution and systematics: Metaphysical and epistemological considerations // Acta Biotheor. V. 57. № 1. P. 77–97.
- Charig A.J., 1982. Systematics in biology: a fundamental comparison of some major schools of thought // Problems of phylogenetic reconstruction / Eds Joysey K.A., Friday A.E. Syst. Assoc. Spec. V. 21. L.: Acad. Press. P. 363–440.
- Clements F.E., Hall H.M., 1919. Experimental taxonomy // Carnegie Inst. Wash. Yearb. V. 18. P. 334–335.
- De Craene L.P.R., 2010. Floral diagrams. An aid to understanding flower morphology and evolution. Cambridge (UK): Cambridge Univ. Press. 458 p.
- Ereshefsky M., 2008. Systematics and taxonomy // A companion to the philosophy of biology / Eds Sarkar S., Plutynski A. Oxford: Blackwell Publ. Ltd. P. 99–118.
- Ghiselin M.T., 1997. Metaphysics and the origin of species. N.Y.: State Univ. of N.Y. Press. 377 p.
- Goodwin B., 1994. Homology, development, and heredity // Homology: The hierarchical basis of comparative morphology / Ed. Hall B.K. N.Y.: Acad. Press. P. 229–247.
- Gould S.J., 1977. Ontogeny and phylogeny. Cambridge (MA): Belknap Press. 491 p.
- Hall B.K., 1992. Evolutionary developmental biology. L.: Chapman Hall. 512 p.
- Hall H.M., Clements F.E., 1923. The phylogenetic method in taxonomy: the North American species of *Artemisia*, *Chrysothamnus*, and *Atriplex* // Publ. Carnegie Inst. Wash. № 326. 355 p.
- Hawskworth D.L., Bisby F.A., 1988. Systematics: the keystone of biology // Prospects in systematics / Ed. Hawskworth D.L. Syst. Assoc. Spec. Vol. № 36. Oxford: Clarendon Press. P. 3–30.
- Hennig W., 1950. Grundzuge einiger Theorie der phylogenetische Systematik. Berlin: Deutscher Zentralverlag. 370 S.
- Hennig W., 1966. Phylogenetic systematics. Urbana (IL): Univ. Illinois Press. 263 p.
- Ho M.W., 1990. An exercise in rational taxonomy // J. Theor. Biol. V. 147. № 1. P. 43–57.
- Ho M.W., 1992. Development, rational taxonomy and systematics // Biol. Forum. V. 85. № 2. P. 193–211.
- Ho M.W., 1998. Evolution // Comparative psychology, a handbook / Eds Greenberg G., Haraway M.M. L.: Taylor & Francis. P. 107–119.
- Ho M.W., Saunders P.T., 1993. Rational taxonomy and the natural system, with particular reference to segmentation // Acta Biotheor. V. 41. № 4. P. 289–304.
- Hull D.L., 1978. A matter of individuality // Philos. Sci. V. 45. № 3. P. 335–360.
- Hull D.L., 1970. Contemporary systematic philosophies // Annu. Rev. Ecol. Syst. V. 1. P. 19–54.
- Huxley J., 1940. Introductory: towards the new systematics // The new systematics / Ed. Huxley J. L.: Oxford Univ. Press. P. 1–46.
- Kluge A.G., Srauss R.E., 1985. Ontogeny and systematics // Ann. Rev. Ecol. Syst. V. 16. P. 247–268.
- LaPorte J., 2004. Natural kinds and conceptual change. N.Y.: Cambridge Univ. Press. 221 p.
- Levit G.S., Meister K., 2006. The history of essentialism vs. Ernst Mayr's "Essentialism story": A case study of German idealistic morphology // Theory Biosci. V. 124. № 3–4. P. 281–307.
- Martynov A.V., 2011. From "tree-thinking" to "cycle-thinking": Ontogenetic systematics of nudibranch mollusks // Thalassas. V. 27. № 2. P. 193–224.
- Martynov A.V., 2012. Ontogenetic systematics: The synthesis of taxonomy, phylogenetics, and evolutionary developmental biology // Paleont. J. V. 46. № 8. P. 833–864.
- Martynov A.V., Schrödl M., 2011. Phylogeny and evolution of corambid nudibranchs (Mollusca: Gastropoda) // Zool. J. Linnean Soc. V. 163. № 2. P. 585–604.
- Matthen M., 2007. Defining vision: What homology thinking contributes // Biol. Philos. V. 22. № 5. P. 675–689.
- Minelli A., 2009. Phylo-evo-devo: Combining phylogenetics with evolutionary developmental biology // BMC Biology, 7: 36. doi:10.1186/1741-7007-7-36
- Nelson G.J., 1974. Classification as an expression of phylogenetic relationships // Syst. Zool. V. 22. № 4. P. 344–359.
- Nelson G., 1978. Ontogeny, phylogeny, paleontology, and the biogenetic law // Syst. Zool. V. 27. № 3. P. 324–345.
- Nelson G.J., 1989. Cladistics and evolutionary models // Cladistics. V. 5. Iss. 3. P. 275–289.
- O'Hara R.J., 1997. Population thinking and tree thinking in systematics // Zool. Scripta. V. 26. № 4. P. 323–329.
- Orton G.L., 1955. The role of ontogeny in systematics and evolution // Evolution. V. 9. № 1. P. 75–83.
- Panchen A.L., 1999. Homology – history of a concept // Homology / Eds Bock G.R., Cardew G. Novartis

- Found. Symp. № 222. Chichester: John Wiley & Sons. P. 5–17.
- Patterson C.*, 1983. How does ontogeny differ from phylogeny? // *Development and evolution* / Eds Goodwin B.C., Holder N., Wylie C.C. Cambridge (UK): Cambridge Univ. Press. P. 1–31.
- Patterson C.*, 1988. The impact of evolutionary theories on systematics // *Prospects in systematics* / Ed. Hawksworth D. Syst. Assoc. Spec. Vol. № 36. Oxford: Clarendon Press. P. 59–91.
- Platnick N.I.*, 1982. Defining characters and evolutionary groups // *Syst. Zool.* V. 31. № 3. P. 282–284.
- Queiroz K., de*, 1988. Systematics and the Darwinian revolution // *Philos. Sci.* V. 55. № 2. P. 238–259.
- Queiroz K., de, Gauthier J.*, 1992. Phylogenetic taxonomy // *Ann. Rev. Ecol. Syst.* V. 23. P. 449–480.
- Remane A.*, 1956. *Grundlagen des natürlichen Systems, der vergleichenden Anatomie und der Phylogenetik: theoretische Morphologie und Systematik.* 2. Aufl. Leipzig: Akad. Verlag. 364 S.
- Riedley M.*, 1986. *Evolution and classification: Reformation of cladism.* N.Y.: Longman Inc. 201 p.
- Sandvik H.*, 2008. Tree thinking cannot taken for granted: Challenges for teaching phylogenetics // *Theory Biosci.* V. 127. № 1. P. 45–51.
- Scott-Ram N.R.*, 1990. *Transformed cladistics: taxonomy and evolution.* N.Y.: Cambridge Univ. Press. 252 p.
- Sneath R.H.A., Sokal R.R.*, 1973. *Numerical taxonomy. The principles and methods of numerical classification.* San Francisco: W.H. Freeman & Co. 573 p.
- Sober E.*, 2000. *Philosophy of biology*, 2nd ed. Boulder: Westview Press. 236 p.
- Stuessy T.F.*, 2008. *Plant taxonomy. The systematic evaluation of comparative data.* 2d ed. N.Y.: Columbia Univ. Press. 568 p.
- Wägele J.-W.*, 2005. *Foundations of phylogenetic systematics.* München: Dr. Friedrich Pfeil Verlag. 365 p.
- Webster G., Goodwin B.*, 1996. *Form and transformation: generative and relational principles in biology.* Cambridge (UK): Cambridge Univ. Press. 287 p.
- Wiley E.O.*, 1981. *Phylogenetics: The theory and practice of phylogenetic systematics.* N.Y.: John Wiley & Sons. 439 p.

A brief review of the ontogenetic systematics, with critical appraisal of A.V. Martynov's version

Igor Ya. Pavlinov

*Zoological Museum of Moscow M.V. Lomonosov State University
125009 Moscow, Bol'shaya Nikitskaya, 6
e-mail: igor_pavlinov@zmmu.msu.ru*

Ontogenetic systematics is based on the general idea that the arrangement of taxa within a classification should reflect diversity of developmental (ontogenetic) patterns peculiar to organisms allocated to these taxa. It was declared first by G. Orton in 1950s and, as understood here, includes such taxonomic approaches as G. Nelson–N. Platnick's pattern cladistics, M.W. Ho's version of rational taxonomy, and eclectic concept of A. Martynov. These concepts can be classified as either “ontogenetic” proper (Nelson–Platnick) or “onto-phylogenetic” (Orton, Ho, Martynov) to reflect inclusion of either ontogenetic only or combined ontogenetic and phylogenetic arguments in the respective argumentation schemes. With respect to interrelations between classificatory and ontogenetic arguments, they can be classified as either “eu-ontogenetic” (Nelson–Platnick, Orton, Ho) or “pseudo-ontogenetic” (Martynov). The latter concept is considered in more details; it is shown to be inconsistent as an artificial combination of mutually incompatible principles borrowed from different taxonomic schools making it a kind of “cladistically interpreted phenetic typology”, and therefore cannot pretend for a status of properly developed taxonomic theory.